

다봉성 함수의 최적화를 위한 향상된 유전알고리즘의 제안

An Enhanced Genetic Algorithm for Optimization of Multimodal Function

김 영 찬*, 양 보 석

Young-Chan Kim* and Bo-Suk Yang

부경대학교 대학원 음향진동공학과, 부경대학교 기계공학부

ABSTRACT

The optimization method based on an enhanced genetic algorithms is proposed for multimodal function optimization in this paper. This method is consisted of two main steps. The first step is global search step using the genetic algorithm(GA) and function assurance criterion(FAC). The belonging of an population to initial solution group is decided according to the FAC. The second step is to decide resemblance between individuals and research optimum solutions by single point method in reconstructive research space. Two numerical examples are also presented in this paper to comparing with conventional methods.

1. 서 론

최근 각종 산업분야에서 시스템의 고효율 저비용이라는 차원에서 시스템의 최적화가 상당히 중요한 문제로 되어 있다. 이것은 시스템에 포함된 각종 성능, 형상파라미터(parameter)등을 변수로 하는 다변수함수의 최적설계로 해석할 수 있다. 이런 시스템의 최적해를 구하는데 많은 시간과 기울기정보를 필요로 하게 된다. 또한 국소최적해에 수렴할 가능성이 있기 때문에 전역최적해를 찾는다는 것은 매우 어렵다. 이러한 단점을 보완하기 위해 최근 생물의 진화원리(선택도태, 돌연변이, 교차)에 착상을 얻은 학습알고리즘으로 유전학과 자연도태의 개념을 근거로한 확률적 탐색방법의 하나인 유전알고리즘⁽¹⁾⁽²⁾(Genetic Algorithms: GA)이 공학분야에 폭 넓게 적용되어왔다.

기존 유전알고리즘은 개체의 유전자를 조작

하여 함수에 대한 적응도를 평가함으로서 최적해를 탐색하였다. 이 경우 함수가 갖는 파라미터의 기울기정보를 필요로 하지 않고 오직 함수에 대한 적응도 값만으로 최적해를 결정할 수 있으며, 다수의 파라미터를 동시에 탐색함으로 기존의 단일점 탐색법(single point search method)에 비해 계산시간이 적게 소요되는 등 많은 장점을 갖고 있다. 최근에는 유전알고리즘과 조합된 방법을 이용하여 다봉성 함수(multimodal function)에 대한 해의 탐색⁽³⁾이 가능하고 국부적 집중탐색에 의한 해의 정도를 높일 수 있는 새로운 조합유전알고리즘⁽⁴⁾이 제안되고 있다.

그러나 이들 탐색이론은 다봉성함수의 해를 탐색하지 못하거나 전역최적해를 탐색하는데 많은 시간이 필요하며, 모든 전역최적해들의 정도 또한 낮고 일정하지 못하다. 그리고 설계조건에 따라서 전역최적해를 적용하지 못하는 경우 설계자는 다른 최적해를 필요로하게 되

는데, 이와 같이 국부최적해가 필요한 경우 기존 조합알고리즘은 이를 제공하지 못한다는 단점을 갖고 있다.

본 논문은 다봉성 함수의 최적해를 정도 높게 탐색하며 계산시간을 줄일 수 있고 필요에 따라서 전역최적해 뿐만아니라 국부최적해도 탐색이 가능한 성능이 향상된 유전알고리즘(EGA)을 제시한다.

2. 제안된 유전알고리즘

Fig. 1은 본 알고리즘의 흐름도를 나타낸다. 이 유전알고리즘은 크게 2단계로 구성된다. 1단계는 수렴성을 평가하는 함수를 알고리즘에 적용하여 전역적인 후보해를 선정한다. 2단계에서는 탐색된 해의 유사도를 평가하여 탐색 집단의 후보해 집단수를 줄이고 재설정된 해공간에서 국부적인 집중탐색을 수행하여 해의 정도를 향상시키며 탐색시간을 줄이는 과정으로 이루어진다.

2.1 전역탐색

2.1.1 초기개체의 생성

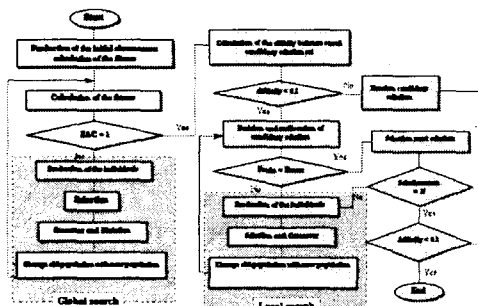


Fig. 1 Flow chart of proposed algorithm

초기개체의 생성에는 전역탐색(GS)의 효율을 높이기 위하여 유전자 균일분포법⁽⁶⁾을 적용하였으며, 돌연변이율은 식 (1)과 같이 세대가 증가할수록 지수적으로 감소하는 함수로 설정한다.

$$\text{Mutation rate} = 0.99 \times e^{-4 \times g_i / G} \quad (1)$$

여기서 g_i 는 i 번째 세대수이며, G 는 총 세대수이다. 이렇게 함으로서 초기개체를 주어진 해공간 내에서 폭넓게 분포시키며, 초기 국부수렴을 방지한다. 또한 초기 전역탐색과정에서 보다 광범위하게 자손을 생성할 수 있기 때문에 다수의 최적해 후보집단을 구성할 수 있다.

2.1.2 전역후보해의 선택

후보해 집단의 선택은 얻고자하는 해의 수를 고려하여 선택하며, 초기 전역해의 수렴성은 식 (2)에 의해 평가된다.

$$FAC = \frac{|f_{i-1} - f_i|^2}{(f_{i-1} - f_{i-2})(f_i - f_i)} \quad (2)$$

여기서 i 는 세대수를 나타내며, f 는 집단의 함수 값을 나타낸다. 식 (2)에서 구해지는 함수인정기준(function assurance criterion: FAC)⁽⁵⁾ 값은 0과 1사이의 값을 가진다. FAC의 값이 1인 경우가 완전히 수렴된 상태이다. 따라서 최고 적응도 값을 갖는 후보해를 탐색하는 경우에는 FAC의 값을 1로 하면 된다.

2.2 국부집중탐색

이 단계에서는 2.1절에서 구성된 후보해 집단의 유사도를 평가하고 재설정된 해공간내에서 국부집중탐색(LS)을 통하여 최적해를 찾는다.

2.2.1 후보해 집단의 유사도 평가

2.1절에 의해 동일 최적해의 유사영역에 속한 해들이 얻어진다. 이들 해의 유사집단을 계산함으로서 탐색횟수와 시간을 감소시킨다. 전역탐색에 의해 선택된 초기 후보해들에 대한 집단 상호간의 유사도평가함수(affinity evaluation function: AEF)는 다음 식 (3)과 같다.

$$AEF_{i,j} = \left| \frac{\sum_{i=1}^{N-1} \sum_{j=T+2}^N (x_i - x_j)}{norm(x)} \right| \quad (3)$$

$$ac_{i,j} = \begin{cases} 1 : AEF_{i,j} \leq T_a \text{ or } i \geq j \\ 0 : \text{otherwise} \end{cases} \quad (4)$$

여기서 x 는 구성된 전체 후보해 집단을 나타내며, i 와 j 는 비교집단과 비교대상집단의 위치를 나타낸다. T_a 는 유사도의 한계치를 나타내고, $ac_{i,j}$ 는 T_a 의 값을 초과하지 않는 경우의 후보해의 유사도를 나타낸다. AEF는 후보해 집단의 유사도 값으로 0인 경우가 완전히 일치하는 경우이다. 본 연구에서는 T_a 값을 0.1로 설정하였다. N 은 초기 전체 후보해 집단의 수를 나타내는데, 후보해 집단의 수는 찾고자 하는 모든 최적해를 탐색하기 위하여 충분히 크게 설정해야만 하며 원하는 최적해에 대하여 2.5배 이상을 설정한다.

2.2.2 국부집중탐색(ES)

2.2.1에 의해 평가되어진 후보해 집단은 식 (4)에 의해서 다음과 같은 후보해 인접벡터로 인해 재탐색의 선정집단을 구성한다.

$$at_i = \sum_{j=1}^N \left\{ \sum_{k=1}^N ac_{i,j} / N \right\} \quad (5)$$

$$X_k = \begin{cases} x_i : & at_i = 1 \\ 0 : & otherwise \end{cases} \quad (6)$$

at_i 은 0에서 1사이 값을 갖으며 1인 경우에 새로운 후보해 집단 X_k 에 선정된다. 이와 같은 과정에 의해 재구성된 후보해 집단 X 는 각 후보해 집단별로 재설정된 탐색영역에서 국부적 집중탐색을 실행한다. 이 경우 집중탐색의 효율을 높이기 위해 돌연변이율은 최소로 설정하며(본 논문에서는 0%), 후보해들의 탐색범위도 후보해 근방($\pm 10\%$)으로 축소하여 최적해탐색을 수행하였다.

이상에서 정의된 유전알고리즘 파라미터값 이외의 값들은 문헌 (1)과 (3)에서 적용된 값으로 하며, Table 1에 이 값을 나타내었다. 여기서 IGA는 문헌 (7)에 의한 다중군 탐색이론인 면역유전알고리즘을 나타내며, EGA는 본 논문에서 제시한 향상된 유전알고리즘을 의미한다.

Table 1 Parameters of IGA and EGA

	IGA	EGA
No. of population	35	100
Length of chromosome	20	10
Crossover probability	1.0	0.5
Mutation probability	0.2	GS :exponential LS : 0
Maximum generation	10000	1000

3. 수치계산에

3.1 다봉성 함수

$$f(x, y) = (\cos 2\pi x + \cos 2.5\pi x - 2.1) \times (2.1 - \cos 3\pi y - \cos 3.5\pi y) \quad (-1 < x, y < 1) \quad (7)$$

식 (7)은 Fig. 2과 같이 주어진 해공간 내에서 동일한 함수값을 갖는 4개의 전역최적해(16.091720)와 4개의 국부최적해(14.333085)가 존재하는 함수를 나타낸다. 초기 전역후보해 집단의 수(N)는 10으로 설정하였다.

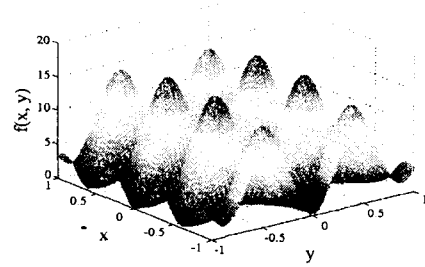


Fig. 2 Trial objective function

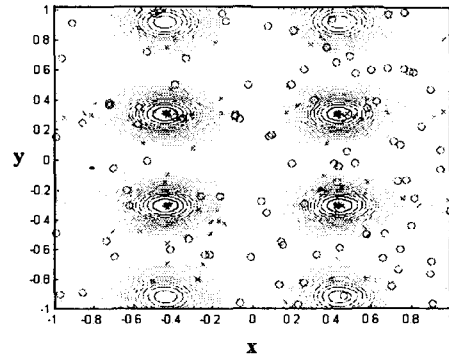


Fig. 3 Distribution of total population (o : intial generation, x : 14th generation)

Table 2 Values of affinity evaluation function

Initial solution		1형		2형		3형		7형		Selected solution	
x	y	AEF	ic	AEF	ic	AEF	ic	AEF	ic	X	Y
-0.4370	0.3040	0	1	0	1	0	1	0	1	-0.4370	0.3040
0.4370	-0.3021	0.7715	1	0	1	0	1	0	1	0.4370	-0.3021
-0.4370	-0.3040	0.4406	1	0.6333	1	0	1	0	1	-0.4370	-0.3040
-0.4409	0.3040	0.9028	0	0.7738	1	0.4406	1	0	1	0	0
-0.4370	0.3079	0.0028	0	0.7731	1	0.4434	1	0	1	0	0
-0.4350	-0.3060	0.4420	1	0.6319	1	0.0020	0	0	1	0	0
-0.4350	-0.3040	0.4406	1	0.6319	1	0.0014	0	0	1	0	0
0.4350	0.3040	0.6319	1	0.4406	1	0.7703	1	0.7692	1	0.4350	0.3040
-0.4350	-0.3040	0.4406	1	0.6319	1	0.0014	0	0	0	0	0
0.4350	-0.3079	0.7720	1	0.0032	0	0.6319	1	0.6305	1	0	0

Table 2은 초기 후보해집단에서 집단간의 유사도평가함수(AEF) 값을 나타내고, 국부 집중탐색에 적용될 새로운 후보해의 선택과정을 나타내고 있다. 식 (5)와 (6)에 의해 0 또는 1의 값을 각 해집단에 부여하여 국부집중탐색에 적용될 새로운 해집단을 선정하게 된다.

Table 3 Comparison of optimization results

	Optimum value	No. of generation	Computation time (s)
SGA	16.091155	500	41.06
IGA	16.091713 16.091713 16.091051 16.091051	10000	342.31
MGA	16.091720 16.091720 16.091720 16.091720	336	267.17

Table 3는 두 알고리즘의 계산결과 및 이때 진행된 세대수와 계산시간을 나타낸다. 단순유전알고리즘(SGA)은 탐색시간이 다른 두 이론에 비해 빠르나 알고리즘 자체의 제한 때문에 주어진 해공간 내에 존재하는 전역최적해 전부(총 4개)를 탐색하지 못하였다. EGA는 IGA에 비해서 한 세대간의 계산시간은 길지만, 탐색에 소요된 전체 세대수가 현저히 작기 때문에 전체 계산시간은 상대적으로 작게 소요되며, 탐색된 해의 정도도 실제 해공간에 존재하는 전역최적해(16.091720)에 더욱 접근하였다.

3.2 서로 다른 최적값을 갖는 경우

식 (7)의 다봉성 함수에서 파라미터 x 와 y 의 해 범위를 다음 식 (8)과 같이 축소하여 설정한다.

$$0 \leq x, y \leq 1 \quad (8)$$

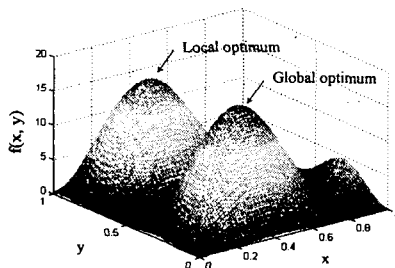


Fig. 4 Trial objective function

Fig. 4는 변경된 해공간 내에서의 함수값을 나타낸다. 이 함수는 주어진 해공간 내에 전역최적해(16.091720)와, 함수값이 다소 적은 국부최적해(14.333085)를 각각 1개씩 갖고 있다.

Table 4 Optimization results

	x	y	results
Global optimum	0.4389120	0.3058644	16.091720
Local optimum	0.4388140	0.9163982	14.333084

계산결과를 Table 4에 나타내었다. IGA는 국부최적해를 탐색하지 못한 반면, EGA는 모두 탐색이 가능하였다.

4. 결론

기존의 유전알고리즘에 전역수렴함수를 도입하여 전역최적해 후보집단을 생성하고 각 집단의 유사도를 평가하여 후보해 집단을 재구

성하는 새로운 향상된 유전알고리즘을 제안하였다. 이렇게 구성된 집단에 대한 수정된 해공간내에서 국부적 집중탐색을 수행함으로써 보다 더 정확한 최적해를 탐색할 수 있었다. 또한 주어진 해공간내에 존재하는 모든 전역최적해 뿐만아니라 전역최적해에 근접한 국부최적해도 탐색이 가능함을 수치예를 통하여 입증하였다. 이렇게함으로써 설계자에게 보다 폭넓은 선택을 제공할 수 있고, 또한 수정된 해공간내에서 국부 집중탐색을 수행하기 때문에 해의 정도를 향상시키며 탐색시간을 감소시킬 수 있다.

참고문헌

- (1) Goldberg, D.E., 1989, "Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning," Addison-Wesley Publishing Company, pp. 1-146.
- (2) Davis, L., 1991, "Handbook of Genetic Algorithms," Van Nostrand Reinhold. New York, pp. 3-23.
- (3) Choi, B. G. and Yang, B. S., 2000, "Optimum Shape Design of Shaft Using Genetic Algorithm", Journal of Vibration and Control, Vol. 6, pp. 207-222.
- (4) Sato, T. and Hagiwara, M., 1998, "Bee System : Finding Solution by a Concentrated Search", T. IEE Japan, Vol.118-C No.5
- (5) Friswell, M. I., and Mottershead J. E., "Finite Element Model Updating in Structural Dynamics", Kluwer Academic Publishers, Vol. 38, pp. 56-59.
- (6) 류근배, 최영준, 1994, "유성생식 유전 알고리즘: 다중선택과 이배성이 탐색성능에 미치는 영향" 대한전기학회 하계학술대회 논문집 A, pp. 165-167.
- (7) Choi, B. G. and Yang, B. S., 2000, "Multi-objective Optimization of Rotor-Bearing System with Dynamic Constraints Using IGA Algorithm", Trans. ASME, Journal of Engineering for Gas Turbines and Power (to be printed)